

### Neue für das poxB-Gen codierende Nukleotidsequenzen

Gegenstand der Erfindung sind für das poxB-Gen kodierende Nukleotidsequenzen aus coryneformen Bakterien und ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin durch Abschwächung des poxB-Gens.

#### Stand der Technik

L-Aminosäuren, insbesondere Lysin finden in der Humanmedizin und in der pharmazeutischen Industrie, in der Lebensmittelindustrie und ganz besonders in der Tierernährung Anwendung.

Es ist bekannt, daß Aminosäuren durch Fermentation von Stämmen coryneformer Bakterien, insbesondere *Corynebacterium glutamicum*, hergestellt werden. Wegen der großen Bedeutung wird ständig an der Verbesserung der Herstellverfahren gearbeitet. Verfahrensbesserungen können fermentationstechnische Maßnahmen wie z.B. Rührung und Versorgung mit Sauerstoff, oder die Zusammensetzung der Nährmedien wie z.B. die Zuckerkonzentration während der Fermentation, oder die Aufarbeitung zur Produktform durch z.B. Ionenaustauschchromatographie oder die intrinsischen Leistungseigenschaften des Mikroorganismus selbst betreffen.

Zur Verbesserung der Leistungseigenschaften dieser Mikroorganismen werden Methoden der Mutagenese, Selektion und Mutantenauswahl angewendet. Auf diese Weise erhält man Stämme, die resistent gegen Antimetabolite oder auxotroph für regulatorisch bedeutsame Metabolite sind und Aminosäuren produzieren.

Seit einigen Jahren werden ebenfalls Methoden der rekombinanten DNA-Technik zur Stammverbesserung von L-Aminosäure produzierenden Stämmen von *Corynebacterium* eingesetzt.

### Aufgabe der Erfindung

Die Erfinder haben sich zur Aufgabe gestellt, neue Maßnahmen zur verbesserten fermentativen Herstellung von Aminosäuren insbesondere L-Lysin bereitzustellen.

## Beschreibung der Erfindung

L-Aminosäuren, insbesondere Lysin finden in der Humanmedizin und in der pharmazeutischen Industrie, in der Lebensmittelindustrie und ganz besonders in der

- 5 Tierernährung Anwendung. Es besteht daher ein allgemeines Interesse daran, neue verbesserte Verfahren zur Herstellung von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, bereitzustellen.

Gegenstand der Erfindung ist ein isoliertes Polynukleotid enthaltend eine Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der

10 Gruppe

- a) Polynukleotid, das mindestens zu 70 % identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid codiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2 enthält,
- 15 b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid codiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70% identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2,
- c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a) oder b), und
- 20 d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15 aufeinanderfolgende Basen der Polynukleotidsequenz von a), b) oder c).

Gegenstand der Erfindung ist ebenfalls das Polynukleotid gemäß Anspruch 1, wobei es sich bevorzugt um eine

25 replizierbare DNA handelt, enthaltend:

- (i) die Nukleotidsequenz, gezeigt in SEQ ID No. 1, oder
- (ii) mindestens eine Sequenz, die der Sequenz (i) innerhalb des Bereichs der Degeneration des
- 30 genetischen Codes entspricht, oder

- (iii) mindestens eine Sequenz, die mit der zur Sequenz (i) oder (ii) komplementären Sequenz hybridisiert, und gegebenenfalls
- (iv) funktionsneutralen Sinnmutationen in (i).

5 Weitere Gegenstände sind

ein Polynukleotid gemäß Anspruch 2, enthaltend die Nukleotidsequenz wie in SEQ ID No. 1 dargestellt,

ein Polynukleotid gemäß Anspruch 2, das für ein Polypeptid codiert, das die Aminosäuresequenz, wie in SEQ ID No. 2 dargestellt, enthält

ein Vektor, enthaltend das Polynukleotid gemäß Anspruch 1, Punkt d insbesondere pCR2.1poxBint, hinterlegt in E.coli DSM 13114

und als Wirtszelle dienende coryneforme Bakterien, die in dem pox-Gen eine Insertion oder Deletion enthalten.

Gegenstand der Erfindung sind ebenso Polynukleotide, die im wesentlichen aus einer Polynukleotidsequenz bestehen, die erhältlich sind durch Screening mittels Hybridisierung einer entsprechenden Genbank, die das vollständige Gen mit der Polynukleotidsequenz entsprechend SEQ ID No. 1 enthalten mit einer Sonde, die die Sequenz des genannten Polynukleotids gemäß SEQ ID No. 1 oder ein Fragment davon enthält und Isolierung der genannten DNA-Sequenz.

Polynukleotidsequenzen gemäß der Erfindung sind geeignet als Hybridisierungs-Sonden für RNA, cDNA und DNA, um cDNA in voller Länge zu isolieren, die für Pyruvat-Oxidase codieren und solche cDNA oder Gene zu isolieren, die eine hohe Ähnlichkeit der Sequenz mit der des Pyruvat-Oxidase Gens aufweisen.

Polynukleotidsequenzen gemäß der Erfindung sind weiterhin als Primer geeignet, mit deren Hilfe mit der Polymerase

Kettenreaktion (PCR) DNA von Genen hergestellt werden kann, die für Pyruvat-Oxidase codieren.

Solche als Sonden oder Primer dienende Oligonukleotide enthalten mindestens 30, bevorzugt mindestens 20, ganz  
5 besonders bevorzugt mindestens 15 aufeinanderfolgende Nukleotide. Geeignet sind ebenfalls Oligonukleotide mit einer Länge von mindestens 40 oder 50 Basen.

„Isoliert“ bedeutet aus seinem natürlichen Umfeld herausgetrennt.

10 „Polynukleotid“ bezieht sich im allgemeinen auf Polyribonukleotide und Polydeoxyribonukleotide, wobei es sich um nicht modifizierte RNA oder DNA oder modifizierte RNA oder DNA handeln kann.

Unter „Polypeptiden“ versteht man Peptide oder Proteine,  
15 die zwei oder mehr über Peptidbindungen verbundene Aminosäuren enthalten.

Die Polypeptide gemäß Erfindung schließen das Polypeptid gemäß SEQ ID No. 2, insbesondere solche mit der biologischen Aktivität der Pyruvat-Oxidase und auch solche  
20 ein, die zu wenigstens 70% identisch sind mit dem Polypeptid gemäß SEQ ID No. 2, bevorzugt zu wenigstens 80% und besonders zu wenigstens 90 % bis 95 % Identität mit dem Polypeptid gemäß SEQ ID No. 2 und die genannte Aktivität aufweisen.

25 Die Erfindung betrifft weiterhin ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von Aminosäuren, insbesondere Lysin, unter Verwendung von coryneformen Bakterien, die insbesondere bereits die Aminosäuren, insbesondere L-Lysin produzieren und in denen die für das poxB-Gen codierenden  
30 Nukleotidsequenzen abgeschwächt, insbesondere auf niedrigem Niveau exprimiert werden.

Der Begriff „Abschwächung“ beschreibt in diesem Zusammenhang die Verringerung oder Ausschaltung der intrazellulären Aktivität eines oder mehrerer Enzyme (Proteine) in einem Mikroorganismus, die durch die

5 entsprechende DNA kodiert werden, indem man beispielsweise einen schwachen Promotor verwendet oder ein Gen bzw. Allel verwendet, das für ein entsprechendes Enzym mit einer niedrigen Aktivität kodiert bzw. das entsprechende Gen oder Enzym (Protein) inaktiviert und gegebenenfalls diese

10 Maßnahmen kombiniert.

Die Mikroorganismen, die Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind, können Aminosäuren, insbesondere Lysin aus Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke, Cellulose oder aus Glycerin und Ethanol herstellen:

15 Es kann sich um Vertreter coryneformer Bakterien insbesondere der Gattung *Corynebacterium* handeln. Bei der Gattung *Corynebacterium* ist insbesondere die Art *Corynebacterium glutamicum* zu nennen, die in der Fachwelt für ihre Fähigkeit bekannt ist, L-Aminosäuren zu

20 produzieren.

Geeignete Stämme der Gattung *Corynebacterium*, insbesondere der Art *Corynebacterium glutamicum*, sind besonders die bekannten Wildtypstämme

25 *Corynebacterium glutamicum* ATCC13032  
*Corynebacterium acetoglutamicum* ATCC15806  
*Corynebacterium acetoacidophilum* ATCC13870  
*Corynebacterium melassecola* ATCC17965  
*Corynebacterium thermoaminogenes* FERM BP-1539  
*Brevibacterium flavum* ATCC14067

30 *Brevibacterium lactofermentum* ATCC13869 und  
*Brevibacterium divaricatum* ATCC14020

und daraus hergestellte L-Aminosäuren produzierende Mutanten bzw. Stämme,

wie beispielsweise die L-Lysin produzierenden Stämme

*Corynebacterium glutamicum* FERM-P 1709

*Brevibacterium flavum* FERM-P 1708

*Brevibacterium lactofermentum* FERM-P 1712

5 *Corynebacterium glutamicum* FERM-P 6463

*Corynebacterium glutamicum* FERM-P 6464 und

*Corynebacterium glutamicum* DSM 5714 Den Erfindern

gelang es, das neue, für das Enzym Pyruvat-Oxidase (EC  
1.2.2.2) kodierende *poxB*-Gen von *C. glutamicum* zu

10 isolieren.

Zur Isolierung des *poxB*-Gens oder auch anderer Gene von *C.*  
*glutamicum* wird zunächst eine Genbank dieses

Mikroorganismus in *E. coli* angelegt. Das Anlegen von

Genbanken ist in allgemein bekannten Lehrbüchern und

15 Handbüchern niedergeschrieben. Als Beispiel seien das

Lehrbuch von Winnacker: Gene und Klone, Eine Einführung in  
die Gentechnologie (Verlag Chemie, Weinheim, Deutschland,  
1990) oder das Handbuch von Sambrook et al.: Molecular

20 Cloning, A Laboratory Manual (Cold Spring Harbor Laboratory  
Press, 1989) genannt. Eine sehr bekannte Genbank ist die  
des *E. coli* K-12 Stammes W3110, die von Kohara et al. (Cell  
50, 495 - 508 (1987)) in  $\lambda$ -Vektoren angelegt wurde. Bathe  
et al. (Molecular and General Genetics, 252:255-265, 1996)

25 beschreiben eine Genbank von *C. glutamicum* ATCC13032, die  
mit Hilfe des Cosmidvektors SuperCos I (Wahl et al., 1987,  
Proceedings of the National Academy of Sciences USA,  
84:2160-2164) im *E. coli* K-12 Stamm NM554 (Raleigh et al.,  
1988, Nucleic Acids Research 16:1563-1575) angelegt wurde.  
Börmann et al. (Molecular Microbiology 6(3), 317-326, 1992)

30 wiederum beschreiben eine Genbank von *C. glutamicum*  
ATCC13032 unter Verwendung des Cosmids pH79 (Hohn und  
Collins, Gene 11, 291-298 (1980)). O'Donohue (The Cloning  
and Molecular Analysis of Four Common Aromatic Amino Acid  
Biosynthetic Genes from *Corynebacterium glutamicum*. Ph.D.

35 Thesis, National University of Ireland, Galway, 1997)  
beschreibt die Klonierung von *C. glutamicum* Genen unter

Verwendung des von Short et al. (Nucleic Acids Research, 16: 7583) beschriebenen  $\lambda$  Zap Expressionssystems.

Zur Herstellung einer Genbank von *C. glutamicum* in *E. coli* können auch Plasmide wie pBR322 (Bolivar, Life Sciences, 25, 807-818 (1979)) oder pUC9 (Vieira et al., 1982, Gene, 19:259-268) verwendet werden. Als Wirte eignen sich besonders solche *E. coli*-Stämme, die restriktions- und rekombinationsdefekt sind wie beispielsweise der Stamm DH5 $\alpha$  (Jeffrey H. Miller: „A Short Course in Bacterial Genetics, A Laboratory Manual and Handbook for Escherichia coli and Related Bacteria“, Cold Spring Harbour Laboratory Press, 1992).

Die mit Hilfe von Cosmiden oder anderen  $\lambda$ -Vektoren klonierten langen DNA-Fragmente können anschließend wiederum in gängige für die DNA-Sequenzierung geeignete Vektoren subkloniert werden.

Methoden zur DNA-Sequenzierung sind unter anderem bei Sanger et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America USA, 74:5463-5467, 1977) beschrieben.

Die erhaltenen DNA-Sequenzen können dann mit bekannten Algorithmen bzw. Sequenzanalyse-Programmen wie z. B. dem von Staden (Nucleic Acids Research 14, 217-232(1986)), dem GCG-Programm von Butler (Methods of Biochemical Analysis 39, 74-97 (1998)) dem FASTA-Algorithmus von Pearson und Lipman (Proceedings of the National Academy of Sciences USA 85,2444-2448 (1988)) oder dem BLAST-Algorithmus von Altschul et al. (Nature Genetics 6, 119-129 (1994)) untersucht und mit den in öffentlich zugänglichen Datenbanken vorhandenen Sequenzeinträgen verglichen werden. Öffentlich zugängliche Datenbanken für Nukleotidsequenzen sind beispielsweise die der European Molecular Biologies Laboratories (EMBL, Heidelberg, Deutschland) oder die des



National Center for Biotechnology Information (NCBI, Bethesda, MD, USA).

Auf diese Weise wurde die neue für das poxB-Gen kodierende DNA-Sequenz von *C. glutamicum* erhalten, die als SEQ ID No. 1 Bestandteil der vorliegenden Erfindung ist. Weiterhin wurde aus der vorliegenden DNA-Sequenz mit den oben beschriebenen Methoden die Aminosäuresequenz des entsprechenden Proteins abgeleitet. In SEQ ID No. 2 ist die sich ergebende Aminosäuresequenz des poxB-Genproduktes dargestellt.

Kodierende DNA-Sequenzen, die sich aus SEQ ID No. 1 durch die Degeneriertheit des genetischen Codes ergeben, sind ebenfalls Bestandteil der Erfindung. In gleicher Weise sind DNA-Sequenzen, die mit SEQ ID No. 1 oder Teilen von SEQ ID No. 1 hybridisieren Bestandteil der Erfindung. Schließlich sind DNA-Sequenzen Bestandteil der Erfindung, die durch die Polymerase-Kettenreaktion (PCR) unter Verwendung von Primern hergestellt werden, die sich aus SEQ ID No. 1 ergeben.

Anleitungen zur Identifizierung von DNA-Sequenzen mittels Hybridisierung findet der Fachmann unter anderem im Handbuch "The DIG System Users Guide for Filter Hybridization" der Firma Boehringer Mannheim GmbH (Mannheim, Deutschland, 1993) und bei Liebl et al. (International Journal of Systematic Bacteriology (1991) 41: 255-260). Anleitungen zur Amplifikation von DNA-Sequenzen mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) findet der Fachmann unter anderem im Handbuch von Gait: Oligonukleotide synthesis: a practical approach (IRL Press, Oxford, UK, 1984) und bei Newton und Graham: PCR (Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg, Deutschland, 1994).

Die Erfinder fanden heraus, daß coryneforme Bakterien nach Abschwächung des poxB-Gens in verbesserter Weise L-Aminosäuren insbesondere L-Lysin produzieren.

Zur Erzielung einer Abschwächung können entweder die Expression des poxB-Gens oder die katalytischen Eigenschaften des Enzymproteins herabgesetzt oder ausgeschaltet werden. Gegebenenfalls können beide Maßnahmen  
5 kombiniert werden.

Die Erniedrigung der Genexpression kann durch geeignete Kulturführung oder durch genetische Veränderung (Mutation) der Signalstrukturen der Genexpression erfolgen. Signalstrukturen der Genexpression sind beispielsweise  
10 Repressorgene, Aktivatorgene, Operatoren, Promotoren, Attenuatoren, Ribosomenbindungsstellen, das Startkodon und Terminatoren. Angaben hierzu findet der Fachmann z. B. in der Patentanmeldung WO 96/15246, bei Boyd und Murphy (Journal of Bacteriology 170: 5949 (1988)), bei Voskuil und  
15 Chambliss (Nucleic Acids Research 26: 3548 (1998)), bei Jensen und Hammer (Biotechnology and Bioengineering 58: 191 (1998)), bei Patek et al. (Microbiology 142: 1297 (1996)) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie wie z. B. dem Lehrbuch von Knippers  
20 („Molekulare Genetik“, 6. Auflage, Georg Thieme Verlag, Stuttgart, Deutschland, 1995) oder dem von Winnacker („Gene und Klone“, VCH Verlagsgesellschaft, Weinheim, Deutschland, 1990).

Mutationen, die zu einer Veränderung bzw. Herabsetzung der  
25 katalytischen Eigenschaften von Enzymproteinen führen sind aus dem Stand der Technik bekannt; als Beispiele seien die Arbeiten von Qiu und Goodman (Journal of Biological Chemistry 272: 8611-8617 (1997)), Sugimoto et al. (Bioscience Biotechnology and Biochemistry 61: 1760-1762  
30 (1997)) und Möckel („Die Threonindehydratase aus Corynebacterium glutamicum: Aufhebung der allosterischen Regulation und Struktur des Enzyms“, Berichte des Forschungszentrums Jülichs, Jül-2906, ISSN09442952, Jülich, Deutschland, 1994) genannt. Zusammenfassende Darstellungen  
35 können bekannten Lehrbüchern der Genetik und

Molekularbiologie wie z. B. dem von Hagemann („Allgemeine Genetik“, Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1986) entnommen werden.

Als Mutationen kommen Transitionen, Transversionen,  
5 Insertionen und Deletionen in Betracht. In Abhängigkeit von der Wirkung des Aminosäureaustausches auf die Enzymaktivität wird von Fehlsinnmutationen (missense mutations) oder Nichtsinnmutationen (nonsense mutations) gesprochen. Insertionen oder Deletionen von mindestens  
10 einem Basenpaar in einem Gen führen zu Rasterverschiebungsmutationen (frame shift mutations) in deren Folge falsche Aminosäuren eingebaut werden oder die Translation vorzeitig abbricht. Deletionen von mehreren Kodonen führen typischerweise zu einem vollständigen  
15 Ausfall der Enzymaktivität. Anleitungen zur Erzeugung derartiger Mutationen gehören zum Stand der Technik und können bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie wie z. B. dem Lehrbuch von Knippers („Molekulare Genetik“, 6. Auflage, Georg Thieme Verlag,  
20 Stuttgart, Deutschland, 1995), dem von Winnacker („Gene und Klone“, VCH Verlagsgesellschaft, Weinheim, Deutschland, 1990) oder dem von Hagemann („Allgemeine Genetik“, Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1986) entnommen werden.

Ein Beispiel für ein Plasmid, mit Hilfe dessen eine  
25 Insertionsmutagenese des poxB-Gens durchgeführt werden kann, ist pCR2.1poxBint (Figur 1).

Plasmid pCR2.1poxBint besteht aus dem von Mead et al. (Bio/Technology 9:657-663 (1991)) beschriebenen Plasmid pCR2.1-TOPO, in das ein internes Fragment des poxB-Gens,  
30 dargestellt in SEQ-ID No. 3, eingebaut wurde. Dieses Plasmid führt nach Transformation und homologer Rekombination in das chromosomale poxB-Gen (Insertion) zu einem Totalverlust der Enzymfunktion. Auf diese Weise wurde beispielhaft der Stamm DSM5715::pCR2.1poxBint hergestellt,  
35 dessen Pyruvat-Oxidase ausgeschaltet ist. Weitere

Anleitungen und Erläuterungen zur Insertionsmutagenese findet man beispielsweise bei Schwarzer und Pühler (Bio/Technology 9,84-87 (1991)) oder Fitzpatrick et al. (Applied Microbiology and Biotechnology 42, 575-580 (1994)).

5

Zusätzlich kann es für die Produktion von L-Aminosäuren insbesondere L-Lysin vorteilhaft sein, zusätzlich zur Abschwächung des poxB-Gens eines oder mehrere Enzyme des jeweiligen Biosyntheseweges, der Glykolyse, der Anaplerotik, des Zitronensäure-Zyklus oder des Aminosäure-Exports zu verstärken, insbesondere zu überexprimieren.

10

So kann beispielsweise für die Herstellung von L-Lysin

15

- gleichzeitig das für die Dihydrodipicolinat-Synthase kodierende dapA-Gen (EP-B 0 197 335), oder
- gleichzeitig das für die Tetradihydrodipicolinat Succinylase kodierende dapD Gen (Wehrmann et al., Journal of Bacteriology 180, 3159-3165 (1998)), oder

20

- gleichzeitig das Gen für die Succinyldiaminopimelate-Desuccinylase kodierende dapE Gen (Wehrmann et al., Journal of Bacteriology 177: 5991-5993 (1995)), oder

25

- gleichzeitig das für die Glyceraldehyd-3-Phosphat Dehydrogenase kodierende gap-Gen (Eikmanns (1992). Journal of Bacteriology 174:6076-6086), oder
- gleichzeitig das für die Pyruvat Carboxylase codierende pyc-Gen(Eikmanns (1992). Journal of Bacteriology 174:6076-6086), oder
- gleichzeitig das für die Malat:Chinon Oxidoreduktase kodierende mqo-Gen (Molenaar et al., European Journal of Biochemistry 254, 395 - 403 (1998)), oder

- gleichzeitig das für den Lysin-Export kodierende lysE-Gen (DE-A-195 48 222)

überexprimiert werden.

Weiterhin kann es für die Produktion von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin vorteilhaft sein, neben der Abschwächung des poxB-Gens unerwünschte Nebenreaktionen auszuschalten (Nakayama: „Breeding of Amino Acid Producing Micro-organisms“, in: Overproduction of Microbial Products, Krumphanzl, Sikyta, Vanek (eds.), Academic Press, London, UK, 1982).

Die das Polynukleotid gemäß Anspruch 1 enthaltenden Mikroorganismen sind ebenfalls Gegenstand der Erfindung und können kontinuierlich oder diskontinuierlich im batch - Verfahren (Satzkultivierung) oder im fed batch (Zulaufverfahren) oder repeated fed batch Verfahren (repetitives Zulaufverfahren) zum Zwecke der Produktion von L-Aminosäuren insbesondere L-Lysin kultiviert werden. Eine Zusammenfassung über bekannte Kultivierungsmethoden sind im Lehrbuch von Chmiel (Bioprozesstechnik 1. Einführung in die Bioverfahrenstechnik (Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1991)) oder im Lehrbuch von Storhas (Bioreaktoren und periphere Einrichtungen (Vieweg Verlag, Braunschweig/Wiesbaden, 1994)) beschrieben.

Das zu verwendende Kulturmedium muß in geeigneter Weise den Ansprüchen der jeweiligen Stämme genügen. Beschreibungen von Kulturmedien verschiedener Mikroorganismen sind im Handbuch „Manual of Methods for General Bacteriology“, der American Society for Bacteriology (Washington D.C., USA, 1981) enthalten. Als Kohlenstoffquelle können Zucker und Kohlehydrate wie z.B. Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke und Cellulose, Öle und Fette wie z. B. Sojaöl, Sonnenblumenöl, Erdnussöl und Kokosfett, Fettsäuren wie z. B. Palmitinsäure, Stearinsäure und Linolsäure, Alkohole wie z. B. Glycerin und Ethanol und

organische Säuren wie z. B. Essigsäure verwendet werden. Diese Stoffe können einzeln oder als Mischung verwendet werden. Als Stickstoffquelle können organische Stickstoffhaltige Verbindungen wie Peptone, Hefeextrakt, 5 Fleischextrakt, Malzextrakt, Maisquellwasser, Sojabohnenmehl und Harnstoff oder anorganische Verbindungen wie Ammoniumsulfat, Ammoniumchlorid, Ammoniumphosphat, Ammoniumcarbonat und Ammoniumnitrat verwendet werden. Die Stickstoffquellen können einzeln oder als Mischung 10 verwendet werden. Als Phosphorquelle können Phosphorsäure, Kaliumdihydrogenphosphat oder Dikaliumhydrogenphosphat oder die entsprechenden Natrium haltigen Salze verwendet werden. Das Kulturmedium muß weiterhin Salze von Metallen enthalten wie z.B. Magnesiumsulfat oder Eisensulfat, die für das 15 Wachstum notwendig sind. Schließlich können essentielle Wuchsstoffe wie Aminosäuren und Vitamine zusätzlich zu den oben genannten Stoffen eingesetzt werden. Dem Kulturmedium können überdies geeignete Vorstufen zugesetzt werden. Die genannten Einsatzstoffe können zur Kultur in Form eines 20 einmaligen Ansatzes hinzugegeben oder in geeigneter Weise während der Kultivierung zugefüttert werden.

Zur pH - Kontrolle der Kultur werden basische Verbindungen wie Natriumhydroxid, Kaliumhydroxid, Ammoniak bzw. Ammoniakwasser oder saure Verbindungen wie Phosphorsäure 25 oder Schwefelsäure in geeigneter Weise eingesetzt. Zur Kontrolle der Schaumentwicklung können Antischaummittel wie z.B. Fettsäurepolyglykolester eingesetzt werden. Zur Aufrechterhaltung der Stabilität von Plasmiden können dem Medium geeignete selektiv wirkende Stoffe z.B. Antibiotika 30 hinzugefügt werden. Um aerobe Bedingungen aufrechtzuerhalten werden Sauerstoff oder Sauerstoff haltige Gasmischungen wie z.B. Luft in die Kultur eingetragen. Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise bei 20°C bis 45°C und vorzugsweise bei 25°C bis 40°C. Die 35 Kultur wird solange fortgesetzt bis sich ein Maximum des gewünschten Produktes gebildet hat. Dieses Ziel wird

normalerweise innerhalb von 10 Stunden bis 160 Stunden erreicht.

Methoden zur Bestimmung von L-Aminosäuren sind aus dem Stand der Technik bekannt. Die Analyse kann so wie bei  
5 Spackman et al. (Analytical Chemistry, 30, (1958), 1190) beschrieben durch Anionenaustauschchromatographie mit anschließender Ninhydrin Derivatisierung erfolgen, oder sie kann durch reversed phase HPLC erfolgen, so wie bei  
Lindroth et al. (Analytical Chemistry (1979) 51: 1167-1174)  
10 beschrieben.

Folgender Mikroorganismus wurde bei der Deutschen Sammlung für Mikroorganismen und Zellkulturen (DSMZ, Braunschweig, Deutschland) gemäß Budapester Vertrag hinterlegt:

- Escherichia coli Stamm DH5 $\alpha$ /pCR2.1poxBint als DSM 13114.

## Beispiele

Die vorliegende Erfindung wird im folgenden anhand von Ausführungsbeispielen näher erläutert.

## Beispiel 1

- 5 Herstellung einer genomischen Cosmid-Genbank aus  
Corynebacterium glutamicum ATCC 13032

Chromosomale DNA aus Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 wurde wie bei Tauch et al., (1995, Plasmid 33:168-179) beschrieben, isoliert und mit dem Restriktionsenzym Sau3AI  
10 (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung Sau3AI, Code no. 27-0913-02) partiell gespalten. Die DNA-Fragmente wurden mit shrimp alkalischer Phosphatase (Roche Molecular Biochemicals, Mannheim, Deutschland, Produktbeschreibung SAP, Code no. 1758250)  
15 dephosphoryliert. Die DNA des Cosmid-Vektors SuperCos1 (Wahl et al. (1987) Proceedings of the National Academy of Sciences USA 84:2160-2164), bezogen von der Firma Stratagene (La Jolla, USA, Produktbeschreibung SuperCos1 Cosmid Vektor Kit, Code no. 251301) wurde mit dem  
20 Restriktionsenzym XbaI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung XbaI, Code no. 27-0948-02) gespalten und ebenfalls mit shrimp alkalischer Phosphatase dephosphoryliert. Anschließend wurde die Cosmid-DNA mit dem Restriktionsenzym BamHI (Amersham Pharmacia, Freiburg,  
25 Deutschland, Produktbeschreibung BamHI, Code no. 27-0868-04) gespalten. Die auf diese Weise behandelte Cosmid-DNA wurde mit der behandelten ATCC13032-DNA gemischt und der Ansatz mit T4-DNA-Ligase (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung T4-DNA-Ligase, Code no. 27-  
30 0870-04) behandelt. Das Ligationsgemisch wurde anschließend mit Hilfe des Gigapack II XL Packing Extracts (Stratagene, La Jolla, USA, Produktbeschreibung Gigapack II XL Packing Extract, Code no. 200217) in Phagen verpackt. Zur Infektion des E. coli Stammes NM554 (Raleigh et al. 1988, Nucleic



Acid Res. 16:1563-1575) wurden die Zellen in 10 mM MgSO<sub>4</sub> aufgenommen und mit einem Aliquot der Phagensuspension vermischt. Infektion und Titerung der Cosmidbank wurden wie bei Sambrook et al. (1989, Molecular Cloning: A laboratory Manual, Cold Spring Harbor) beschrieben durchgeführt, wobei  
5 die Zellen auf LB-Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) + 100 µg/ml Ampicillin ausplattiert wurden. Nach Inkubation über Nacht bei 37°C wurden rekombinante Einzelklone selektioniert.

10

## Beispiel 2

### Isolierung und Sequenzierung des poxB-Gens

Die Cosmid-DNA einer Einzelkolonie wurde mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit (Product No. 27106, Qiagen, Hilden,  
15 Germany) nach Herstellerangaben isoliert und mit dem Restriktionsenzym Sau3AI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung Sau3AI, Product No. 27-0913-02) partiell gespalten. Die DNA-Fragmente wurden mit shrimp alkalischer Phosphatase (Roche Molecular  
20 Biochemicals, Mannheim, Deutschland, Produktbeschreibung SAP, Product No. 1758250) dephosphoryliert. Nach gelelektrophoretischer Auftrennung erfolgte die Isolierung der Cosmidfragmente im Größenbereich von 1500 bis 2000 bp mit dem QiaExII Gel Extraction Kit (Product No. 20021,  
25 Qiagen, Hilden, Germany). Die DNA des Sequenziervektors pZero-1 bezogen von der Firma Invitrogen (Groningen, Niederlande, Produktbeschreibung Zero Background Cloning Kit, Product No. K2500-01) wurde mit dem Restriktionsenzym BamHI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland,  
30 Produktbeschreibung BamHI, Product No. 27-0868-04) gespalten. Die Ligation der Cosmidfragmente in den Sequenziervektor pZero-1 wurde wie von Sambrook et al. (1989, Molecular Cloning: A laboratory Manual, Cold Spring Harbor) beschrieben durchgeführt, wobei das DNA-Gemisch mit

T4-Ligase (Pharmacia Biotech, Freiburg, Deutschland) über Nacht inkubiert wurde. Dieses Ligationsgemisch wurde anschließend in den E. coli Stamm DH5 $\alpha$ MCR (Grant, 1990, Proceedings of the National Academy of Sciences U.S.A., 87:4645-4649) elektroporiert (Tauch et al. 1994, FEMS Microbiol Letters, 123:343-7) und auf LB-Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) mit 50  $\mu$ g/ml Zeocin ausplattiert. Die Plasmidpräparation der rekombinanten Klone erfolgte mit dem Biorobot 9600 (Product No. 900200, Qiagen, Hilden, Deutschland). Die Sequenzierung erfolgte nach der Dideoxy-Kettenabbruch-Methode von Sanger et al. (1977, Proceedings of the National Academies of Sciences U.S.A., 74:5463-5467) mit Modifikationen nach Zimmermann et al. (1990, Nucleic Acids Research, 18:1067). Es wurde der "RR dRhodamin Terminator Cycle Sequencing Kit" von PE Applied Biosystems (Product No. 403044, Weiterstadt, Deutschland) verwendet. Die gelelektrophoretische Auftrennung und Analyse der Sequenzierreaktion erfolgte in einem "Rotiphorese NF Acrylamid/Bisacrylamid" Gel (29:1) (Product No. A124.1, Roth, Karlsruhe, Germany) mit dem "ABI Prism 377" Sequenziergerät von PE Applied Biosystems (Weiterstadt, Deutschland).

Die erhaltenen Roh-Sequenzdaten wurden anschließend unter Anwendung des Staden-Programmpakets (1986, Nucleic Acids Research, 14:217-231) Version 97-0 prozessiert. Die Einzelsequenzen der pZerol-Derivate wurden zu einem zusammenhängenden Contig assembliert. Die computergestützte Kodierbereichsanalyse wurden mit dem Programm XNIP (Staden, 1986, Nucleic Acids Research, 14:217-231) angefertigt. Weitere Analysen wurden mit den "BLAST search programs" (Altschul et al., 1997, Nucleic Acids Research, 25:3389-3402), gegen die non-redundant Datenbank des "National Center for Biotechnology Information" (NCBI, Bethesda, MD, USA) durchgeführt.

Die erhaltene Nukleotidsequenz ist in SEQ ID No. 1 dargestellt. Die Analyse der Nukleotidsequenz ergab ein offenes Leseraster von 1737 Basenpaaren, welches als poxB-Gen bezeichnet wurde. Das poxB-Gen kodiert für ein

5 Polypeptid von 579 Aminosäuren.

### Beispiel 3

#### Herstellung eines Integrationsvektors für die Integrationsmutagenese des poxB-Gens

10 Aus dem Stamm ATCC 13032 wurde nach der Methode von Eikmanns et al. (Microbiology 140: 1817 - 1828 (1994)) chromosomale DNA isoliert. Aufgrund der aus Beispiel 2 für C. glutamicum bekannten Sequenz des poxB-Gens wurden die folgenden Oligonukleotide für die Polymerase Kettenreaktion

15 ausgewählt:

poxBint1:

5` TGC GAG ATG GTG AAT GGT GG 3`

poxBint2:

5` GCA TGA GGC AAC GCA TTA GC 3`

20 Die dargestellten Primer wurden von der Firma MWG Biotech (Ebersberg, Deutschland) synthetisiert und nach der Standard-PCR-Methode von Innis et al. (PCR protocols. A guide to methods and applications, 1990, Academic Press) mit Pwo-Polymerase der Firma Boehringer die PCR Reaktion

25 durchgeführt. Mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion wurde ein ca. 0,9 kb großen DNA-Fragment isoliert, welches ein internes Fragment des poxB-Gens trägt und in der SEQ ID No. 3 dargestellt ist.

Das amplifizierte DNA Fragment wurde mit dem TOPO TA

30 Cloning Kit der Firma Invitrogen Corporation (Carlsbad, CA, USA; Katalog Nummer K4500-01) in den Vektor pCR2.1-TOPO (Mead et al. (1991) Bio/Technology 9:657-663) ligiert.

Anschließend wurde der E. coli Stamm DH5 $\alpha$  mit dem Ligationsansatz (Hanahan, In: DNA cloning. A practical approach. Vol.I. IRL-Press, Oxford, Washington DC, USA, 1985) elektroporiert. Die Selektion von Plasmid-tragenden Zellen erfolgte durch Ausplattieren des Transformationsansatzes auf LB Agar (Sambrook et al., Molecular cloning: a laboratory manual. 2<sup>nd</sup> Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y., 1989), der mit 25 mg/l Kanamycin supplementiert worden war. Plasmid-DNA wurde aus einer Transformante mit Hilfe des QIAprep Spin Miniprep Kit der Firma Qiagen isoliert und durch Restriktion mit dem Restriktionsenzym EcoRI und anschließender Agarosegel-Elektrophorese (0,8%) überprüft. Das Plasmid wurde pCR2.1poxBint genannt.

15

#### Beispiel 4

Integrationsmutagenese des poxB-Gens in dem Lysinproduzenten DSM 5715

Der in Beispiel 2 genannte Vektor pCR2.1poxBint wurde nach der Elektroporationsmethode von Tauch et.al. (FEMS Microbiological Letters, 123:343-347 (1994)) in Corynebacterium glutamicum DSM 5715 elektroporiert. Bei dem Stamm DSM 5715 handelt es sich um einen AEC resistenten Lysin-Produzenten. Der Vektor pCR2.1poxBint kann in DSM5715 nicht selbständig replizieren und bleibt nur dann in der Zelle erhalten, wenn er ins Chromosom von DSM 5715 integriert hat. Die Selektion von Klonen mit ins Chromosom integriertem pCR2.1poxBint erfolgte durch Ausplattieren des Elektroporationsansatzes auf LB Agar (Sambrook et al., Molecular cloning: a laboratory manual. 2<sup>nd</sup> Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, N.Y.), der mit 15 mg/l Kanamycin supplementiert worden war. Für den Nachweis der Integration wurde das poxBint Fragment nach der Methode "The DIG System Users Guide for Filter

Hybridization" der Firma Boehringer Mannheim GmbH (Mannheim, Deutschland, 1993) mit dem Dig-Hybridisierungskit der Firma Boehringer markiert. Chromosomale DNA eines potentiellen Integranten wurde nach  
5 der Methode von Eikmanns et al. (Microbiology 140: 1817 - 1828 (1994)) isoliert und jeweils mit den Restriktionsenzymen SalI, SacI und HindIII geschnitten. Die entstehenden Fragmente wurden mit Agarosegel-Elektrophorese aufgetrennt und mit dem Dig-Hybrisierungskit der Firma  
10 Boehringer bei 68°C hybridisiert. Das in Beispiel 3 genannte Plasmid pCR2.1poxBint hatte innerhalb des chromosomalen poxB-Gens ins Chromosom von DSM5715 inseriert. Der Stamm wurde als DSM5715::pCR2.1poxBint bezeichnet.

15

#### Beispiel 5

#### Herstellung von Lysin

Der in Beispiel 3 erhaltene *C. glutamicum* Stamm DSM5715::pCR2.1poxBint wurde in einem zur Produktion von  
20 Lysin geeigneten Nährmedium kultiviert und der Lysingehalt im Kulturüberstand bestimmt.

Dazu wurde der Stamm zunächst auf Agarplatte mit dem entsprechenden Antibiotikum (Hirn-Herz Agar mit Kanamycin (25 mg/l) für 24 Stunden bei 33°C inkubiert. Ausgehend von  
25 dieser Agarplattenkultur wurde eine Vorkultur angeimpft (10 ml Medium im 100 ml Erlenmeyerkolben). Als Medium für die Vorkultur wurde das Vollmedium CgIII verwendet. Diesem wurde Kanamycin (25 mg/l) zugesetzt. Die Vorkultur wurde 48 Stunden bei 33°C bei 240 rpm auf dem Schüttler inkubiert.  
30 Von dieser Vorkultur wurde eine Hauptkultur angeimpft, so daß die Anfangs-OD (660nm) der Hauptkultur 0,1 OD betrug. Für die Hauptkultur wurde das Medium MM verwendet.

## Medium MM

CSL (Corn Steep Liquor)	5 g/l
MOPS	20 g/l
Glucose (getrennt autoklaviert)	50g/l

## Salze:

$(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$	25 g/l
$\text{KH}_2\text{PO}_4$	0,1 g/l
$\text{MgSO}_4 \cdot 7 \text{ H}_2\text{O}$	1,0 g/l
$\text{CaCl}_2 \cdot 2 \text{ H}_2\text{O}$	10 mg/l
$\text{FeSO}_4 \cdot 7 \text{ H}_2\text{O}$	10 mg/l
$\text{MnSO}_4 \cdot \text{H}_2\text{O}$	5,0mg/l
Biotin (sterilfiltriert)	0,3 mg/l
Thiamin * HCl (sterilfiltriert)	0,2 mg/l
Leucin (sterilfiltriert)	0,1 g/l
$\text{CaCO}_3$	25 g/l

- CSL, MOPS und die Salzlösung werden mit Ammoniakwasser auf pH 7 eingestellt und autoklaviert. Anschließend werden die
- 5 sterilen Substrat- und Vitaminlösungen zugesetzt, sowie das trocken autoklavierte  $\text{CaCO}_3$  zugesetzt.

- Die Kultivierung erfolgt in 10 ml Volumen in einem 100 ml Erlenmeyerkolben mit Schikanen. Es wurde Kanamycin (25 mg/l) zugesetzt. Die Kultivierung erfolgte bei 33°C und 80%
- 10 Luftfeuchte.

Nach 48 Stunden wurde die OD bei einer Meßwellenlänge von 660 nm mit dem Biomek 1000 (Beckmann Instruments GmbH, München) ermittelt. Die gebildete Lysinmenge wurde mit einem Aminosäureanalysator der Firma Eppendorf-BioTronik (Hamburg, Deutschland) durch Ionenaustauschchromatographie und Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrindetektion bestimmt.

In Tabelle 1 ist das Ergebnis des Versuchs dargestellt.

Tabelle 1

Stamm	OD(660)	Lysin-HCl g/l
DSM5715	13,1	9,5
DSM5715::pCR2.1poxBint	12,5	12,9

Folgende Figuren sind beigelegt:

Figur 1: Karte des Plasmids pCR2.1poxBint.

Die verwendeten Abkürzungen und Bezeichnungen haben folgende Bedeutung.

5

ColE1 ori:	Replikationsursprung des Plasmids ColE1
lacZ:	5'Ende des $\beta$ -Galactosidase Gens
f1 ori:	Replikationsursprung des Phagen f1
KmR:	Kanamycin Resistenz
ApR:	Ampicillin Resistenz
BamHI:	Schnittstelle des Restriktionsenzym BamHI
EcoRI:	Schnittstelle des Restriktionsenzym EcoRI
poxBint:	internes Fragment des poxB-Gens



## SEQUENZPROTOKOLL

&lt;110&gt; Degussa-Hüls AG

5 &lt;120&gt; Neue für das poxB-Gen codierende Nukleotidsequenzen

&lt;130&gt; 990159 BT

&lt;140&gt;

10 &lt;141&gt;

&lt;160&gt; 3

&lt;170&gt; PatentIn Ver. 2.1

15

&lt;210&gt; 1

&lt;211&gt; 2160

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Corynebacterium glutamicum

20

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (327)..(2063)

25

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; -35\_signal

&lt;222&gt; (227)..(232)

30

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; -10\_signal

&lt;222&gt; (256)..(261)

&lt;400&gt; 1

35

ttagaggcga ttctgtgagg tcaacttttg tggggtcggg gtctaaattt ggccagtttt 60

cgaggcgacc agacaggcgt gcccacgatg tttaaataagg cgatcgggtg gcatctgtgt 120

ttggtttcga cgggctgaaa ccaaaccaga ctgccagca acgacggaaa tcccaaaagt 180

40

gggcatccct gtttggtacc gagtaccac ccgggcctga aactccctgg caggcgggcg 240

aagcgtggca acaactggaa tttaagagca caattgaagt cgcaccaagt taggcaacac 300

45

aatagccata acgttgagga gttcag atg gca cac agc tac gca gaa caa tta 353

Met Ala His Ser Tyr Ala Glu Gln Leu

1

5

50

att gac act ttg gaa gct caa ggt gtg aag cga att tat ggt ttg gtg 401

Ile Asp Thr Leu Glu Ala Gln Gly Val Lys Arg Ile Tyr Gly Leu Val

10

15

20

25

ggg gac agc ctt aat ccg atc gtg gat gct gtc cgc caa tca gat att 449

Gly Asp Ser Leu Asn Pro Ile Val Asp Ala Val Arg Gln Ser Asp Ile

30

35

40

55

gag tgg gtg cac gtt cga aat gag gaa gcg gcg gcg ttt gca gcc ggt 497

Glu Trp Val His Val Arg Asn Glu Glu Ala Ala Ala Phe Ala Ala Gly

45

50

55

	gcg gaa tcg ttg atc act ggg gag ctg gca gta tgt gct gct tct tgt	545
	Ala Glu Ser Leu Ile Thr Gly Glu Leu Ala Val Cys Ala Ala Ser Cys	
	60 65 70	
5	ggt cct gga aac aca cac ctg att cag ggt ctt tat gat tcg cat cga	593
	Gly Pro Gly Asn Thr His Leu Ile Gln Gly Leu Tyr Asp Ser His Arg	
	75 80 85	
10	aat ggt gcg aag gtg ttg gcc atc gct agc cat att ccg agt gcc cag	641
	Asn Gly Ala Lys Val Leu Ala Ile Ala Ser His Ile Pro Ser Ala Gln	
	90 95 100 105	
15	att ggt tcg acg ttc ttc cag gaa acg cat ccg gag att ttg ttt aag	689
	Ile Gly Ser Thr Phe Phe Gln Glu Thr His Pro Glu Ile Leu Phe Lys	
	110 115 120	
20	gaa tgc tct ggt tac tgc gag atg gtg aat ggt ggt gag cag ggt gaa	737
	Glu Cys Ser Gly Tyr Cys Glu Met Val Asn Gly Gly Glu Gln Gly Glu	
	125 130 135	
25	cgc att ttg cat cac gcg att cag tcc acc atg gcg ggt aaa ggt gtg	785
	Arg Ile Leu His His Ala Ile Gln Ser Thr Met Ala Gly Lys Gly Val	
	140 145 150	
30	tcg gtg gta gtg att cct ggt gat atc gct aag gaa gac gca ggt gac	833
	Ser Val Val Val Ile Pro Gly Asp Ile Ala Lys Glu Asp Ala Gly Asp	
	155 160 165	
35	ggt act tat tcc aat tcc act att tct tct ggc act cct gtg gtg ttc	881
	Gly Thr Tyr Ser Asn Ser Thr Ile Ser Ser Gly Thr Pro Val Val Phe	
	170 175 180 185	
40	ccg gat cct act gag gct gca gcg ctg gtg gag gcg att aac aac gct	929
	Pro Asp Pro Thr Glu Ala Ala Ala Leu Val Glu Ala Ile Asn Asn Ala	
	190 195 200	
45	aag tct gtc act ttg ttc tgc ggt gcg ggc gtg aag aat gct cgc gcg	977
	Lys Ser Val Thr Leu Phe Cys Gly Ala Gly Val Lys Asn Ala Arg Ala	
	205 210 215	
50	cag gtg ttg gag ttg gcg gag aag att aaa tca ccg atc ggg cat gcg	1025
	Gln Val Leu Glu Leu Ala Glu Lys Ile Lys Ser Pro Ile Gly His Ala	
	220 225 230	
55	ctg ggt ggt aag cag tac atc cag cat gag aat ccg ttt gag gtc ggc	1073
	Leu Gly Gly Lys Gln Tyr Ile Gln His Glu Asn Pro Phe Glu Val Gly	
	235 240 245	
60	atg tct ggc ctg ctt ggt tac ggc gcc tgc gtg gat gcg tcc aat gag	1121
	Met Ser Gly Leu Leu Gly Tyr Gly Ala Cys Val Asp Ala Ser Asn Glu	
	250 255 260 265	
65	gcg gat ctg ctg att cta ttg ggt acg gat ttc cct tat tct gat ttc	1169
	Ala Asp Leu Leu Ile Leu Leu Gly Thr Asp Phe Pro Tyr Ser Asp Phe	
	270 275 280	
70	ctt cct aaa gac aac gtt gcc cag gtg gat atc aac ggt gcg cac att	1217
	Leu Pro Lys Asp Asn Val Ala Gln Val Asp Ile Asn Gly Ala His Ile	
	285 290 295	

5	ggt	cga	cgt	acc	acg	gtg	aag	tat	ccg	gtg	acc	ggt	gat	ggt	gct	gca	1265
	Gly	Arg	Arg	Thr	Thr	Val	Lys	Tyr	Pro	Val	Thr	Gly	Asp	Val	Ala	Ala	
			300					305					310				
10	aca	atc	gaa	aat	att	ttg	cct	cat	gtg	aag	gaa	aaa	aca	gat	cgt	tcc	1313
	Thr	Ile	Glu	Asn	Ile	Leu	Pro	His	Val	Lys	Glu	Lys	Thr	Asp	Arg	Ser	
		315					320					325					
15	ttc	ctt	gat	cgg	atg	ctc	aag	gca	cac	gag	cgt	aag	ttg	agc	tcg	gtg	1361
	Phe	Leu	Asp	Arg	Met	Leu	Lys	Ala	His	Glu	Arg	Lys	Leu	Ser	Ser	Val	
		330				335					340					345	
20	gta	gag	acg	tac	aca	cat	aac	gtc	gag	aag	cat	gtg	cct	att	cac	cct	1409
	Val	Glu	Thr	Tyr	Thr	His	Asn	Val	Glu	Lys	His	Val	Pro	Ile	His	Pro	
					350					355					360		
25	gaa	tac	gtt	gcc	tct	att	ttg	aac	gag	ctg	gcg	gat	aag	gat	gcg	gtg	1457
	Glu	Tyr	Val	Ala	Ser	Ile	Leu	Asn	Glu	Leu	Ala	Asp	Lys	Asp	Ala	Val	
				365					370					375			
30	ttt	act	gtg	gat	acc	ggc	atg	tgc	aat	gtg	tgg	cat	gcg	agg	tac	atc	1505
	Phe	Thr	Val	Asp	Thr	Gly	Met	Cys	Asn	Val	Trp	His	Ala	Arg	Tyr	Ile	
			380					385					390				
35	gag	aat	ccg	gag	gga	acg	cgc	gac	ttt	gtg	ggt	tca	ttc	cgc	cac	ggc	1553
	Glu	Asn	Pro	Glu	Gly	Thr	Arg	Asp	Phe	Val	Gly	Ser	Phe	Arg	His	Gly	
		395					400					405					
40	acg	atg	gct	aat	gcg	ttg	cct	cat	gcg	att	ggt	gcg	caa	agt	ggt	gat	1601
	Thr	Met	Ala	Asn	Ala	Leu	Pro	His	Ala	Ile	Gly	Ala	Gln	Ser	Val	Asp	
		410				415					420					425	
45	cga	aac	cgc	cag	gtg	atc	gcg	atg	tgt	ggc	gat	ggt	ggt	ttg	ggc	atg	1649
	Arg	Asn	Arg	Gln	Val	Ile	Ala	Met	Cys	Gly	Asp	Gly	Gly	Leu	Gly	Met	
				430						435					440		
50	ctg	ctg	ggt	gag	ctt	ctg	acc	gtt	aag	ctg	cac	caa	ctt	ccg	ctg	aag	1697
	Leu	Leu	Gly	Glu	Leu	Leu	Thr	Val	Lys	Leu	His	Gln	Leu	Pro	Leu	Lys	
				445					450					455			
55	gct	gtg	gtg	ttt	aac	aac	agt	tct	ttg	ggc	atg	gtg	aag	ttg	gag	atg	1745
	Ala	Val	Val	Phe	Asn	Asn	Ser	Ser	Leu	Gly	Met	Val	Lys	Leu	Glu	Met	
			460					465					470				
60	ctc	gtg	gag	gga	cag	cca	gaa	ttt	ggt	act	gac	cat	gag	gaa	gtg	aat	1793
	Leu	Val	Glu	Gly	Gln	Pro	Glu	Phe	Gly	Thr	Asp	His	Glu	Glu	Val	Asn	
		475					480					485					
65	ttc	gca	gag	att	gcg	gcg	gct	gcg	ggt	atc	aaa	tcg	gta	cgc	atc	acc	1841
	Phe	Ala	Glu	Ile	Ala	Ala	Ala	Ala	Gly	Ile	Lys	Ser	Val	Arg	Ile	Thr	
		490				495					500					505	
70	gat	ccg	aag	aaa	gtt	cgc	gag	cag	cta	gct	gag	gca	ttg	gca	tat	cct	1889
	Asp	Pro	Lys	Lys	Val	Arg	Glu	Gln	Leu	Ala	Glu	Ala	Leu	Ala	Tyr	Pro	
					510					515					520		

5 gga cct gta ctg atc gat atc gtc acg gat cct aat gcg ctg tcg atc 1937  
 Gly Pro Val Leu Ile Asp Ile Val Thr Asp Pro Asn Ala Leu Ser Ile  
 525 530 535

cca cca acc atc acg tgg gaa cag gtc atg gga ttc agc aag gcg gcc 1985  
 Pro Pro Thr Ile Thr Trp Glu Gln Val Met Gly Phe Ser Lys Ala Ala  
 540 545 550

10 acc cga acc gtc ttt ggt gga gga gta gga gcg atg atc gat ctg gcc 2033  
 Thr Arg Thr Val Phe Gly Gly Gly Val Gly Ala Met Ile Asp Leu Ala  
 555 560 565

15 cgt tcg aac ata agg aat att cct act cca tgatgattga tacacctgct 2083  
 Arg Ser Asn Ile Arg Asn Ile Pro Thr Pro  
 570 575

gttctcattg accgcgagcg cttaactgcc aacatttcca ggatggcagc tcacgccggt 2143

20 gcccatgaga ttgcct 2160

<210> 2  
 <211> 579  
 25 <212> PRT  
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 2  
 30 Met Ala His Ser Tyr Ala Glu Gln Leu Ile Asp Thr Leu Glu Ala Gln  
 1 5 10 15  
 Gly Val Lys Arg Ile Tyr Gly Leu Val Gly Asp Ser Leu Asn Pro Ile  
 20 25 30

35 Val Asp Ala Val Arg Gln Ser Asp Ile Glu Trp Val His Val Arg Asn  
 35 40 45  
 Glu Glu Ala Ala Ala Phe Ala Ala Gly Ala Glu Ser Leu Ile Thr Gly  
 50 55 60

40 Glu Leu Ala Val Cys Ala Ala Ser Cys Gly Pro Gly Asn Thr His Leu  
 65 70 75 80  
 Ile Gln Gly Leu Tyr Asp Ser His Arg Asn Gly Ala Lys Val Leu Ala  
 45 85 90 95

Ile Ala Ser His Ile Pro Ser Ala Gln Ile Gly Ser Thr Phe Phe Gln  
 100 105 110

50 Glu Thr His Pro Glu Ile Leu Phe Lys Glu Cys Ser Gly Tyr Cys Glu  
 115 120 125

Met Val Asn Gly Gly Glu Gln Gly Glu Arg Ile Leu His His Ala Ile  
 130 135 140

55 Gln Ser Thr Met Ala Gly Lys Gly Val Ser Val Val Val Ile Pro Gly  
 145 150 155 160

Asp Ile Ala Lys Glu Asp Ala Gly Asp Gly Thr Tyr Ser Asn Ser Thr  
 165 170 175  
 5 Ile Ser Ser Gly Thr Pro Val Val Phe Pro Asp Pro Thr Glu Ala Ala  
 180 185 190  
 Ala Leu Val Glu Ala Ile Asn Asn Ala Lys Ser Val Thr Leu Phe Cys  
 195 200 205  
 10 Gly Ala Gly Val Lys Asn Ala Arg Ala Gln Val Leu Glu Leu Ala Glu  
 210 215 220  
 Lys Ile Lys Ser Pro Ile Gly His Ala Leu Gly Gly Lys Gln Tyr Ile  
 225 230 235 240  
 15 Gln His Glu Asn Pro Phe Glu Val Gly Met Ser Gly Leu Leu Gly Tyr  
 245 250 255  
 20 Gly Ala Cys Val Asp Ala Ser Asn Glu Ala Asp Leu Leu Ile Leu Leu  
 260 265 270  
 Gly Thr Asp Phe Pro Tyr Ser Asp Phe Leu Pro Lys Asp Asn Val Ala  
 275 280 285  
 25 Gln Val Asp Ile Asn Gly Ala His Ile Gly Arg Arg Thr Thr Val Lys  
 290 295 300  
 Tyr Pro Val Thr Gly Asp Val Ala Ala Thr Ile Glu Asn Ile Leu Pro  
 305 310 315 320  
 30 His Val Lys Glu Lys Thr Asp Arg Ser Phe Leu Asp Arg Met Leu Lys  
 325 330 335  
 35 Ala His Glu Arg Lys Leu Ser Ser Val Val Glu Thr Tyr Thr His Asn  
 340 345 350  
 Val Glu Lys His Val Pro Ile His Pro Glu Tyr Val Ala Ser Ile Leu  
 355 360 365  
 40 Asn Glu Leu Ala Asp Lys Asp Ala Val Phe Thr Val Asp Thr Gly Met  
 370 375 380  
 Cys Asn Val Trp His Ala Arg Tyr Ile Glu Asn Pro Glu Gly Thr Arg  
 385 390 395 400  
 45 Asp Phe Val Gly Ser Phe Arg His Gly Thr Met Ala Asn Ala Leu Pro  
 405 410 415  
 50 His Ala Ile Gly Ala Gln Ser Val Asp Arg Asn Arg Gln Val Ile Ala  
 420 425 430  
 Met Cys Gly Asp Gly Gly Leu Gly Met Leu Leu Gly Glu Leu Leu Thr  
 435 440 445  
 55 Val Lys Leu His Gln Leu Pro Leu Lys Ala Val Val Phe Asn Asn Ser  
 450 455 460  
 Ser Leu Gly Met Val Lys Leu Glu Met Leu Val Glu Gly Gln Pro Glu  
 465 470 475 480

Phe Gly Thr Asp His Glu Glu Val Asn Phe Ala Glu Ile Ala Ala Ala  
 485 490 495

5 Ala Gly Ile Lys Ser Val Arg Ile Thr Asp Pro Lys Lys Val Arg Glu  
 500 505 510

Gln Leu Ala Glu Ala Leu Ala Tyr Pro Gly Pro Val Leu Ile Asp Ile  
 515 520 525

10 Val Thr Asp Pro Asn Ala Leu Ser Ile Pro Pro Thr Ile Thr Trp Glu  
 530 535 540

Gln Val Met Gly Phe Ser Lys Ala Ala Thr Arg Thr Val Phe Gly Gly  
 545 550 555 560

Gly Val Gly Ala Met Ile Asp Leu Ala Arg Ser Asn Ile Arg Asn Ile  
 565 570 575

20 Pro Thr Pro

25 <210> 3  
 <211> 875  
 <212> DNA  
 <213> Corynebacterium glutamicum

30 <400> 3  
 tgcgagatgg tgaatgggtg tgagcagggg gaacgcattt tgcatacacgc gattcagttcc 60  
 accatggcgg gtaaagggtg gtcgggtggt gtgattcctg gtgatatcgc taaggaagac 120  
 gcaggtgacg gtacttattc caattccact atttcttctg gcactcctgt ggtgttcccg 180  
 gatcctactg aggctgcagc gctgggtggag gcgattaaca acgctaagtc tgtcactttg 240  
 35 ttctgcgggtg cgggcgtgaa gaatgctcgc gcgcaggtgt tggagttggc ggagaagatt 300  
 aaatcaccga tcgggcatgc gctgggtggt aagcagtaca tccagcatga gaatccgttt 360  
 gaggtcggca tgtctggcct gcttggttac ggcgctgcg tggatgcgtc caatgaggcg 420  
 gatctgctga ttctattggg tacggatttc ccttattctg atttccttcc taaagacaac 480  
 gttgcccagg tggatatcaa cggtgcgac attggtcgac gtaccacggt gaagtatccg 540  
 40 gtgaccgggtg atgttgctgc aacaatcgaa aatattttgc ctcatgtgaa ggaaaaaaca 600  
 gatcgttcct tccttgatcg gatgctcaag gcacacgagc gtaagttgag ctcggtggta 660  
 gagacgtaca cacataacgt cgagaagcat gtgcctattc accctgaata cgttgccctc 720  
 attttgaacg agctggcgga taaggatgcg gtgtttactg tggataccgg catgtgcaat 780  
 gtgtggcatg cgaggtacat cgagaatccg gagggaacgc gcgactttgt ggggttcattc 840  
 45 cgccacggca cgatggctaa tgcgttgccct catgc 875

## Patentansprüche

1. Isoliertes Polynukleotid enthaltend eine Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe
  - 5 a) Polynukleotid, das zu mindestens 70 % identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid codiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2 enthält,
  - 10 b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid codiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70 % identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2,
  - c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a) oder b), und
  - 15 d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15 aufeinanderfolgende Basen der Polynukleotidsequenz von a), b) oder c).
2. Polynukleotid gemäß Anspruch 1, wobei das Polynukleotid eine replizierbare, bevorzugt rekombinante DNA ist.
- 20 3. Polynukleotid gemäß Anspruch 1, wobei das Polynukleotid eine RNA ist.
4. Polynukleotid gemäß Anspruch 2, enthaltend die Nukleinsäuresequenz wie in SEQ ID No. 1 dargestellt.
- 25 5. Polynukleotidsequenz gemäß Anspruch 2, die für ein Polypeptid codiert, das die Aminosäuresequenz in SEQ ID No. 2 darstellt, enthält.

6. Replizierbare DNA gemäß Anspruch 2,  
enthaltend
- (i) die Nukleotidsequenz, gezeigt in SEQ-ID-No. 1,  
oder
  - 5 (ii) mindestens eine Sequenz, die der Sequenz (i)  
innerhalb des Bereichs der Degeneration des  
genetischen Codes entspricht, oder
  - (iii) mindestens eine Sequenz, die mit der zur  
Sequenz (i) oder (ii) komplementären Sequenz  
10 hybridisiert, und gegebenenfalls
  - (iv) funktionsneutrale Sinnmutanten in (i)
7. Vektor, enthaltend das Polynukleotid gemäß Anspruch 1,  
insbesondere Punkt d, hinterlegt in E.coli, DSM 13114.
8. Als Wirtszelle dienende coryneforme Bakterien, die  
15 eine Deletion oder eine Insertion in dem poxB-Gen  
enthalten.
9. Verfahren zur Herstellung von L-Aminosäuren,  
insbesondere L-Lysin,  
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t ,  
20 daß man folgende Schritte durchführt,
- a) Fermentation der die gewünschte L-Aminosäure  
produzierenden Bakterien, in denen man zumindest  
das poxB-Gen abschwächt,
  - 25 b) Anreicherung des gewünschten L-Aminosäure im  
Medium  
oder in den Zellen der Bakterien, und
  - c) Isolieren der L-Aminosäure.
10. Verfahren gemäß Anspruch 9,  
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t ,  
30 daß man Bakterien einsetzt, in denen man zusätzlich



weitere Gene des Biosyntheseweges der gewünschten L-Aminosäure verstärkt.

11. Verfahren gemäß Anspruch 9,  
dadurch gekennzeichnet,  
5 daß man Bakterien einsetzt, in denen die Stoffwechselwege zumindest teilweise ausgeschaltet sind, die die Bildung der gewünschten L-Aminosäure verringern.
12. Verfahren gemäß Anspruch 9,  
10 dadurch gekennzeichnet, daß man die Expression des Polynukleotids gemäß Anspruch 1, insbesondere 1 a bis 1 c verringert.
13. Verfahren gemäß Anspruch 9,  
15 dadurch gekennzeichnet, daß man die katalytischen Eigenschaften des Polypeptids (Enzymproteins) herabsetzt, für das das Polynukleotid gemäß Anspruch 1, insbesondere 1 a bis 1 c codiert.
14. Verfahren gemäß Anspruch 9,  
20 dadurch gekennzeichnet, daß man Bakterien einsetzt, in denen man zur Abschwächung die Integrationsmutagenese mittels des Plasmids pCR2.1poxBint, dargestellt in Figur 1 und hinterlegt als DSM 13114, oder eines seiner  
25 Bestandteile verwendet.
15. Verfahren gemäß Anspruch 9,  
dadurch gekennzeichnet,  
30 daß man für die Herstellung von L-Lysin Bakterien fermentiert, in denen man gleichzeitig eines oder mehrere Gene überexprimiert, ausgewählt aus der Gruppe
- das für die Dihydrodipicolinat-Synthase kodierende dapA-Gen,

- das die S-(2-Aminoethyl)-Cystein-Resistenz vermittelnde DNA-Fragment,
  - das die Pyruvat-Carboxylase kodierende pyc-Gen,
  - das Gen für die Succinyldiaminopimelate-Desuccinylase kodierende dapE Gen
  - das für die Glyceraldehyd-3-Phosphat Dehydrogenase kodierende dap-Gen
  - das für die Malat:Chinon Oxidoreduktase kodierende mgo-Gen
  - das für den Lysin-Export kodierende lysE-Gen.
16. Verfahren gemäß einem oder mehreren der vorhergehenden Ansprüche,  
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t ,  
daß man Mikroorganismen der Gattung Corynebacterium glutamicum einsetzt.

**Neue für das poxB-Gen codierende Nukleotidsequenzen****Zusammenfassung**

Isoliertes Polynukleotid enthaltend eine Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe

- 5 a) Polynukleotid, das mindestens zu 70 % identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid codiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2 enthält,
- 10 b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid codiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70 % identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2,
- c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a) oder b), und
- 15 d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15 aufeinanderfolgende Basen der Polynukleotidsequenz von a), b) oder c),

und Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Aminosäuren durch Abschwächung des poxB-Gens.